DOI: 10.13930/j.cnki.cjea.170291

杜思瑶, 于淼, 刘芳华, 肖雷雷, 张洪霞, 陶军, 顾卫, 顾京晏, 陈茜. 设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响高志永, 汪有科. 黄土高原露日数变化趋势分析[J].中国生态农业学报, 2017, DOI: 10.13930/j.cnki.cjea.170291
Du S Y, Yu M, Liu F H, Xiao L L, Zhang H C, Tao J, Gu W, Gu J Y, Chen X. Effect of facility management regimes on soil bacterial diversity and community structure[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2017, DOI: 10.13930/j.cnki.cjea.170291

设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响*

杜思瑶[1,2,3], 于 淼[4], 刘芳华[5], 肖雷雷[5], 张洪霞[5,6], 陶 军[1,2,3**], 顾 卫[1,2,3], 顾京晏[1,2,3], 陈 茜[1,2,3]

(1. 北京师范大学地表过程与资源生态国家重点实验室 北京 100875; 2. 北京师范大学环境演变与自然灾害教育部重点实验室 北京 100875; 3. 北京师范大学地理科学学部 北京 100875; 4. 鲁东大学资源与环境工程学院 烟台 264025; 5. 中国科学院烟台海岸带研究所/海岸带生物学与生物资源利用重点实验室 烟台 264003; 6. 中国科学院大学 北京 100040)

摘 要: 为了研究有机和常规设施种植模式及轮作对土壤细菌多样性和群落结构的影响, 本研究采用Illumina平台Hiseq 2500高通量测序技术, 于2016年6月(作物处于收获期)对北京市顺义区不同设施种植模式(分别为有机设施种植模式和常规设施种植模式下的叶菜连作、茄果连作和叶茄轮作)下土壤细菌进行16S rRNA测序。测序质控后共获得17 278个操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs), 共计318 851条有效序列。比较不同种植模式和轮作下土壤细菌多样性、细菌群落结构组成、相对丰度及土壤理化性质与细菌群落多样性关系的差异性。结果表明: 土壤微生物群落结构在有机和常规设施种植模式下差异明显, 有机设施种植土壤细菌多样性高于常规设施种植; 有机设施种植下轮作与连作土壤细菌群落结构表现出明显差异, 而常规设施种植下, 两者没有明显差异; 有机种植模式下, 轮作土壤细菌群落多样性高于连作土壤; 设施种植土壤细菌群落主要属于鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 5.05%)和芽孢杆菌属(*Bacillus*, 4.84%), 相对丰度大于0.5%的共有14个属。有机设施种植土壤含有较多促进植物生长、有机质分解的细菌, 常规设施种植土壤中降解化学杀虫剂、防治土壤病害、促进硝化过程的细菌较多。RDA分析结果显示土壤细菌群落主要受全磷、速效磷、有机质的影响。*Tumebacillus*、*Candidatus Solibacter*和*Acidothermus*都是分解有机质、利用碳源的细菌属, 与土壤有机质(SOM)呈正相关关系。由此可见, 设施条件下, 有机和常规种植土壤微生物群落结构的差异性主要源于肥料使用、有害生物防治措施和管理方式的不同。有机设施种植模式下, 轮作更有利于发挥其改良土壤营养循环和防治土壤病虫害的作用。上述结果为在微生物水平上研究设施条件下不同种植模式的土壤生态质量差异提供了参考。

关键词: 设施种植; 有机种植; 轮作方式; 土壤细菌; 群落结构; 多样性; 高通量测序
中图分类号: S154.36 **文献标识码:** A

Effect of facility management regimes on soil bacterial diversity and community structure*

DU Siyao[1,2,3], YU Miao[4], LIU Fanghua[5], XIAO Leilei[5], ZHANG Hongxia[5,6], TAO Jun[1,2,3**], GU Wei[1,2,3], GU Jingyan[1,2,3], CHEN Xi[1,2,3]

(1. State Key Laboratory of Earth Surface Processes and Resource Ecology, Beijing Normal University, Beijing 100875, China; 2. Key Laboratory of Environmental Change and Natural Disaster, Ministry of Education, Beijing Normal University, Beijing 100875, China; 3. Faculty of Geographical Science, Beijing Normal University, Beijing 100875, China; 4. Institute of Resource and Environmental Engineering, Ludong University, Yantai 264025, China; 5. Key Laboratory of Coastal Biology and Bioresource Utilization / Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences, Yantai 264003, China; 6. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100040, China)

* 国家科技支撑计划课题(2014BAD14B03)和国家自然科学基金项目(41371257, 41573071)资助
**通讯作者: 陶军, 主要研究方向为土壤生态学。E-mail: juntao@bnu.edu.cn
杜思瑶, 主要研究方向为土壤微生物。E-mail: siyaodu@ mail.bnu.edu.cn
收稿日期: 2017-04-05 接受日期: 2017-08-15
* Founded by the National Key Technologies R&D Program of China (2014BAD14B03) and the National Natural Science Foundation of China (41371257, 41573071)
**Corresponding author, E-mail: juntao@bnu.edu.cn
Received Apr. 5, 2017; accepted Aug. 15, 2017

Abstract: Organic agriculture is a sustainable alternative to conventional agriculture. However, little is known about the effect of both organic and conventional agriculture on the environment and on the soil microbial community. The hypothesis was that bacterial community structure is defined by different agronomic practices. The objective of this study was to show how cropping systems, organic and conventional facility management regimes affect bacterial community structure and diversity. The study was also intended to increase knowledge on the prediction of soil sustainability under specific agronomic practices. The Illumina platform Hiseq 2500 high-throughput sequencing technique was used to sequence facility soil bacteria 16S rRNA from 6 treatments (OS: organic management of *Solanaceou*s vegetable continuous cropping; OL: organic management of leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management of leafy-*Solanaceous* vegetables rotation; CS: conventional management of *Solanaceous* vegetable continuous cropping; CL: conventional management of leafy vegetable continuous cropping; and CSL: conventional management leafy-*Solanaceous* vegetables rotation) in Shunyi District of Beijing in June 2016. A total of 17 278 operational taxonomic units (OTUs) and 318 851 effective sequences were detected in the sequence control condition. Compared with soil bacterial community composition, diversity, relative abundance and interaction between soil factors and bacteria in different treatments, the results showed great differences between organic and conventional soil samples in bacterial community composition, and with a higher diversity in organic management. Obvious differences were observed between crop rotation and continuous cropping for bacterial community composition under organic management, while there was no difference between crop rotation and continuous cropping for bacterial community composition under conventional management. Soil bacterial diversity for rotation treatments was higher under organic management. It was found that there were mainly 14 genera of bacterial community, including *Sphingomonas* (5.05%) and *Bacillus* (4.84%). The abundance of the 14 genera changed significantly between organic and conventional management. There were insecticides degrading bacteria (*Sphingomonas*, *Pseudomonas* and *Agromyces*), disease controlling bacteria (*Blastococcus* and *Lysobacter*) and nitrification promoting bacteria (*Candidatus Entotheonella* and *Microvirga*) in conventional system. There were plant growth promoting bacteria (*Bacillus*) and organism degrading bacteria (*Arthrobacter*, *Bhargavaea*, *Bryobacter*, *Candidatus Solibacter*, *Acidothermus* and *Tumebacillus*) in organic system. Redundancy analysis also showed that soil bacterial community was affected mainly by soil total phosphorus, available phosphorus, and soil organic matter. Organic matter-decomposing bacteria *Tumebacillus*, *Candidatus Solibacter* and *Acidothermus* were positive associated with soil organic matter. Therefore, the difference between organic and conventional soil samples for bacterial community originated from different fertilizer use methods, insecticide use methods and management patterns. Crop rotation promoted soil nutrient cycle and disease control under organic management. The results suggested that ecological adaptation mechanisms of different functional micro-organisms had significant differences in facility vegetable soils under different facility management regimes. The study provided the basis for further studies on exploring and explaining the characteristics and adaptation mechanisms of micro-organisms in facility soils under different facility management regimes.

Keywords: Facility planting; Organic farming; Crops rotation system; Soil bacteria; Community structure; Diversity; High-throughput sequencing

设施种植是一种在局部范围改善或创造环境，提供人为可控环境条件(如日光温室大棚)，进行蔬菜、瓜果等集约化的种植方式，大多为有土栽培[1]。全球设施种植面积超过 390 万 hm^2，中国设施种植面积约占全球的 90%[2]。但常规的设施种植“高投入、高产出”的特点使得养分在设施土壤中大量积累[1]，形成土壤次生盐渍化、土壤酸化、土传病害等土壤障碍因子[3-4]。设施种植的方式和土壤理化性状的变化，也影响了土壤微生物多样性和群落结构[5]。土壤微生物在农业生态系统中起到至关重要的作用，它们参与作物与土壤互作的每个环节，包括土壤碳氮养分循环[6]、植物生长调节[7]、植物病虫害防治[8-9]、土壤结构的优化[10]等。近年来，以建立和恢复农业生态系统生物多样性和农业可持续发展为目标的有机种植受到广泛关注。有研究表明，有机种植明显提高土壤微生物的多样性[11-12]，从而维持土壤生态系统的稳定性，这可能主要归功于有机肥施用为土壤微生物的生长和繁殖提供了丰富多样的食物资源[13]。研究表明，有机肥施用增加了一些土壤有益细菌数量，如固氮菌等[14]，这些有益细菌使土壤元素从有机形态转化成被植物吸收利用的形态，增加土壤肥力，促进土壤养分循环和植物生长[14]。另外，轮作可均衡利用土壤中的营养元素、改善土壤理化特性、减少土传病害[15]。有研究表明，轮作增加土壤微生物多样性[16]，且增加土壤细菌如假单胞菌(*Pseudomonadaceae* spp.)等的丰度，可有效分解土壤有机质，并防止土传病害发生[17]。

但上述有机种植和轮作对土壤微生物多样性和群落结构的影响研究不是在设施条件下开展的。设施种植条件下土壤经常处于高温、高湿环境，影响土壤中微生物的多样性和群落结构。曾希柏等[18-19]在设施条件下的研究表明，有机种植比常规种植显著增加土壤微生物多样性；与露天种植不同的是，有机设施种植可以增加土壤厚壁菌等细菌数量[19]，起到防止土壤病虫害的作用。但在设施条件下，不同种植模式(有机和常规)土壤微生物多样性和群落结构的研究相对较少。

目前，通过研究土壤微生物多样性和群落结构，揭示不同农业种植下土壤质量、功能差异的发生机制成为近年来的热点。本研究采用 DNA 提取及高通量测序技术，研究北京市顺义区设施种植条件下，不同种植模式(有机和常规)和轮作对土壤细菌多样性和群落结构的影响及其与土壤环境因子之间的关系。阐明不同模式下土壤细菌群落结构的差异，旨在确定更加合理的设施种植模式，为设施种植土壤生态环境改善和可持续发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验样地选择在北京市顺义区设施蔬菜种植园(116°49′E, 40°04′N)，该区土壤类型为黏壤土，年平均气温 11.5 ℃，年日照时数 2 750 h，无霜期 191~199 d，年均相对湿度 50%，年均降雨量约 625 mm。2016 年 6 月经本研究采样分析测定，0~20 cm 供试土壤基本化学性质：pH 7.45，电导率 88.65 $\mu S \cdot cm^{-1}$，铵态氮 1.40 $mg \cdot kg^{-1}$，硝态氮 3.48 $mg \cdot kg^{-1}$，总可溶性氮 9.09 $mg \cdot kg^{-1}$，全磷 0.52 $g \cdot kg^{-1}$，速效磷 20.21 $mg \cdot kg^{-1}$，速效钾 134.06 $mg \cdot kg^{-1}$，有机质 16.36 $g \cdot kg^{-1}$，阳离子交换量 12.07 $cmol \cdot kg^{-1}$。种植园区占地面积 0.11 km^2，共有 7 个大棚，大棚长 100 m，宽 7 m，棚龄 5 年。蔬菜种类分为茄果类[西红柿(*Solanum lycopersicum*)、辣椒(*Capsicum annuum*)、圆茄(*Solanum integrifolium*)]和叶菜类[韭菜(*Allium tuberosum*)、西芹(*Coriandrum sativum*)]。

1.2 试验设计

研究共设置 6 个处理，分别为有机设施种植模式和常规设施种植模式下的叶菜连作、茄果连作和叶茄轮作。每个处理设置 3 个重复，一个大棚即为 1 个重复。轮作每年两茬，种植时期分别为 3—7 月和 9—2 月。叶菜连作种植作物为韭菜，茄果连作种植作物为西红柿，叶茄连作种植作物为韭菜和西红柿轮作。

有机设施种植模式施用有机肥作为基肥，施用量为 1 000~1 200 $kg \cdot hm^{-2}$。其化学性质测定结果为：总氮 1.94 $g \cdot kg^{-1}$，总磷 0.58 $g \cdot kg^{-1}$，总钾 0.84 $g \cdot kg^{-1}$，有机质 182.45 $g \cdot kg^{-1}$。常规设施种植模式以磷酸二铵和菜园专用复合肥按 6∶1 的比例作为基肥，施用量为 450 $kg \cdot hm^{-2}$，磷酸二铵为高浓度速效肥料，菜园专用复合肥是一种钾肥。混合肥料肥效成分指标为：总养分≥680 $g \cdot kg^{-1}$，氮素 180 $g \cdot kg^{-1}$，P_2O_5 460 $g \cdot kg^{-1}$，K_2O 70 $g \cdot kg^{-1}$。两种种植模式后期都进行 3~4 次追肥，追肥施用磷酸二铵，施用量为 120 $kg \cdot hm^{-2}$。在有害生物防治方面，有机设施种植模式采用粘虫网，而常规设施种植模式定植 1 周后采用化学杀虫剂(噻虫嗪、灭蝇胺)3~5 次，每年 7 月底，两种种植模式下所有大棚进行 30~45 d 闷棚杀菌。有机种植模式采用蜜蜂传粉(熊蜂，1 200 头 $\cdot hm^{-2}$)，常规种植模式进行人工授粉。两种种植模式均采用人工割草方式。常规模式产量基本稳定在茄果 60 000 $kg \cdot hm^{-2}$，叶菜 12 000 $kg \cdot hm^{-2}$，有机模式果蔬产量为常规模式的 80%，但果蔬品质和耐储存度较高。

1.3 采样方法

试验在进行了 10 个轮作周期后采样。采样当季作物于 2016 年 3 月种植，采样于 2016 年 6 月进行，此时作物处于收获期。各处理取 0~20 cm 的耕层土壤，按照“S”形多点取样，靠近植株根部处打土钻(直径 3 cm，深度 20 cm)，每棚 6 钻，将土壤充分混匀，作为 1 个耕层土壤样品，每份土样分为 2 份，一份 100 g 放入无菌袋中并迅速放入干冰盒中，带回实验室保存于–80 ℃超低温冰箱，另一份约 800 g 土壤保存于–4 ℃用来分析土壤理化性质。

1.4 样品理化指标分析

土壤理化指标依照文献[20-21]中方法测定。其中 pH 和电导率(EC)使用 pH 计和电导率仪测定(土水比 1∶5)；氨态氮(NH_4^+-N)和硝态氮(NO_3^--N)是将土壤样品经浓度为 0.5 $mol \cdot L^{-1}$ 的 K_2SO_4 溶液浸提 1 h 后，用连续流动分析仪测定；有机质(SOM)采用油浴外加热-$K_2Cr_2O_2$ 容量法测定；总可溶性氮(TSN)是将土壤样品经浓度为 0.5 $mol \cdot L^{-1}$ 的 K_2SO_4 溶液浸提 1 h 后，用 TOC 仪的氮模块进行测定；全磷(TP)采用钼锑抗比色法测定；速效磷(AP)采用 0.5 $mol \cdot L^{-1}$ NaHCO 浸提-分光光度法测定；速效钾(AK)采用 1 $mol \cdot L^{-1}$ NH_4Ac 浸提-火焰光度法测定；阳离子交换量(CEC)采用 NH_4Cl-NH_4Ac 法测定。

1.5 DNA 提取及高通量测序

将每个处理的 3 个重复土壤样品均匀混合，作为该处理的代表样品，进行土壤细菌的测定。称取约 0.33 g 经冷冻干燥处理的土壤样品，使用 Fast DNA Spin Kit for Soil DNA 提取试剂盒(MP Biomedicals, USA)参照试剂盒使用说明提取样品中的总 DNA。并用 1%凝胶电泳检测提取的 DNA 质量，同时用 Nano Drop 2000 UV-Vis Spectrophotometer(Thermo Fisher Scientific, USA)测定浓度。

细菌使用 16SrRNA 基因通用引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 907R(5'-CCGTCAATTCCTTTGAGTTT-3')进行目的基因扩增。PCR 反应条件为：98 ℃预变性 1 min，98 ℃变性 10 s，50 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 30 s，共 30 个循环，最后在 72 ℃下延伸 5 min。反应产物用 2%琼脂糖

凝胶电泳检测。通过 Hiseq 2500 平台(Illumina, SanDiego, CA, USA)进行测序(诺禾致源生物信息科技有限公司，北京)。

1.6 数据分析

原始序列使用 Pandaseq(V 2.7)软件进行拼接，再用 Trimmomatic(V 0.30)软件去除引物和接头序列，使用 Usearch (V 8.0)软件将拼接过滤后的序列与数据库进行比对，去除嵌合体序列(chimera sequence)，最终得到有效序列数据。利用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平上进行操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs)聚类，根据 OTUs 聚类结果，对每个 OTUs 的代表序列做物种注释，得到对应的物种信息和基于物种的相对丰度分布情况，同时，对 OTUs 进行相对丰度计算。多样性分析方法：α-多样性采用 Shannon、Simpson 和 Chao1 等多样性指数计算；对反映不同样本间差异的 β-多样性，通过各样品序列间的系统进化关系和序列相对丰度信息进行主成分分析(PCA)。通过冗余分析(RDA)，分析土壤细菌群落结构与环境因子之间的相关性。

2 结果与分析

2.1 不同设施种植模式的土壤理化性质

土壤理化性质分析结果见表1。试验地土壤类型属于弱酸性，pH 6.23~6.71，且不同土壤样品的pH存在显著性差异(P=0.003)，但波动范围不大。不同土壤样品的有机质、速效钾、硝态氮、电导率存在极显著差异(P<0.001)。6个处理土壤的铵态氮含量也存在显著性差异(P=0.004)。其中，常规设施种植土壤电导率值高于有机模式，表明常规设施种植土壤的盐分积累较有机模式严重；硝态氮含量也呈现相同规律，硝态氮过量可能是土壤盐分积累的主要原因。有机质表现为有机设施种植高于常规设施种植，故有机设施种植显著提高了土壤的有机质含量。速效钾表现为轮作处理高于连作，原因可能是作物轮作有利于土壤养分累积。

表1 不同设施种植模式的土壤理化性质

Table 1 Physiochemical properties of soils from different facility management regimes

处理 Treatment	pH	电导率 Electric conductivity (μS·cm^{-1})	硝态氮 NO_3^--N (mg·kg^{-1})	铵态氮 NH_4^+-N (mg·kg^{-1})	总可溶性氮 Total soluble N (mg·kg^{-1})
OS	6.71±0.10a	238.20±14.28a	46.76±13.35a	1.59±0.62cde	52.84±20.85ab
OL	6.23±0.05b	101.55±9.25c	4.05±1.32d	2.08±0.34c	8.24±2.95b
OSL	6.61±0.18a	93.65±5.81c	7.42±1.17d	1.77±0.13cd	13.16±5.02ab
CS	6.58±0.09a	239.48±5.83a	16.99±4.32c	2.56±0.23ab	27.26±11.32ab
CL	6.48±0.11a	170.22±11.36b	24.52±8.91b	1.40±0.38de	34.56±13.37ab
CSL	6.54±0.06a	254.13±18.14a	47.97±12.68a	2.88±0.60a	59.04±15.29a
处理 Treatment	**有机质 Organic matter (g·kg^{-1})**	**全磷 Total P (g·kg^{-1})**	**速效磷 Available P (mg·kg^{-1})**	**速效钾 Available K (mg·kg^{-1})**	**阳离子交换量 Cation exchange capacity (cmol·kg^{-1})**
OS	32.53±0.35b	1.116±0.248 ab	81.87±15.93a	206.63±26.61bc	17.31±0.58a
OL	30.95±0.73b	1.074±0.422 ab	76.60±28.40ab	222.22±5.66b	19.59±1.77a
OSL	43.73±1.61a	1.913±1.1288a	77.63±47.97ab	259.62±22.22a	19.84±3.46a
CS	31.31±0.3b	0.610±0.3177b	24.38±3.97b	186.27±18.00c	16.27±1.84a
CL	19.56±1.0d	0.961±0.3476ab	83.45±21.27a	153.06±2.80d	16.00±2.00a
CSL	25.25±0.58c	1.2153±0.4008a	63.31±49.27ab	190.00±3.12c	16.32±1.00a

不同字母表示不同处理间差异显著(P<0.05)；OS：有机模式茄果连作；OL：有机模式叶菜连作；OSL：有机模式叶-茄轮作；CS：常规模式茄果连作；CL：常规模式叶菜连作；CSL：常规模式叶-茄轮作。Different letters in each column indicate statistically significant differences of each parameter at 0.05 probability level according to the Duncan test. OS: organic management and solanaceous vegetable continuous cropping; OL: organic management and leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management and leafy-solanaceous vegetable rotation; CS: conventional management and solanaceous vegetable continuous cropping; CL: conventional management and leafy vegetable continuous cropping; CSL: conventional management and leafy-solanaceous vegetable rotation.

2.2 不同设施种植模式土壤测序结果分析

通过对土壤样品进行基于16S rRNA的高通量测序，所有样品共获得318 851个有效序列(序列平均读长为418 bp)，基于相似度97%进行聚类分析，得到OTUs数为17 278(图1，表2)。覆盖度和稀疏曲线用来评估所测序列库容中环境微生物的种类和数量。本研究中的6组处理覆盖度均高于98.5%(表2)，稀疏曲线(图1)趋于平缓，表明不同处理土壤细菌所测序列库容都可以较好地反映细菌群落的种类与数量，基本涵盖了设施土壤中所有细菌种群。

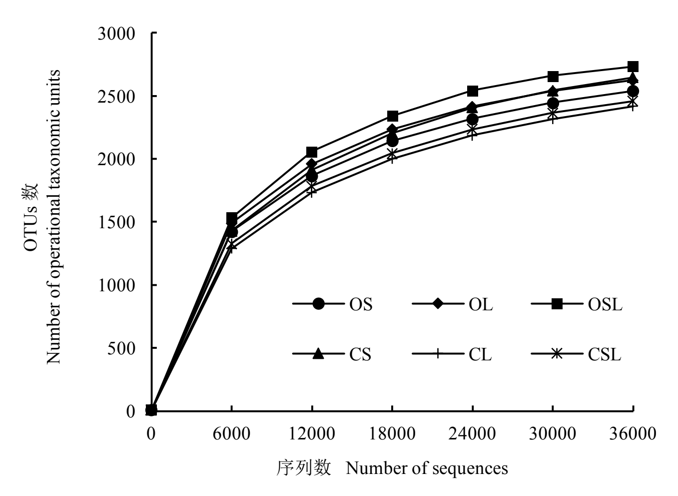


图1 不同设施种植模式土壤细菌稀疏曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of soil bacteria from different facility management regimes

OS: 有机模式茄果连作; OL: 有机模式叶菜连作; OSL: 有机模式叶-茄轮作; CS: 常规模式茄果连作; CL: 常规模式叶菜连作; CSL: 常规模式叶-茄轮作。OS: organic management and solanaceous vegetable continuous cropping; OL: organic management and leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management and leafy-solanaceous vegetable rotation; CS: conventional management and solanaceous vegetable continuous cropping; CL: conventional management and leafy vegetable continuous cropping; CSL: conventional management and leafy-solanaceous vegetable rotation.

2.3 不同设施种植模式土壤细菌α-多样性分析

表2列出了依据细菌OTUs数量计算的各处理土壤细菌α-多样性指数(相似度为97%)。从表中可以看出，叶菜连作、茄果连作和叶-茄轮作条件下，有机设施种植的土壤细菌Shannon多样性指数均高于常规设施种植处理；叶菜连作和叶-茄轮作下，有机设施种植比常规设施种植有较高的土壤细菌Chao1和Simpson多样性指数。有机设施种植土壤，叶-茄轮作比单一叶菜和茄果连作有较高的细菌Shannon多样性指数；但是，叶-茄轮作比单一叶菜和茄果连作有较低的土壤细菌Chao1指数, Chao1和Simpson指数与其他处理差异不大。常规设施种植模式下，茄果连作有最高的Shannon、Simpson和Chao1指数。说明在有机设施种植模式下，轮作处理土壤细菌多样性增加更明显。

表2 不同设施种植模式土壤细菌群落的多样性指数

Table 2 Soil bacterial diversity indexes of different facility management regimes

处理 Treatment	序列数 Sequence number	OTUs 数 OTUs number	覆盖度 Coverage (%)	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index
OS	50 856	2 849	98.60	9.638	0.997	2 832.20
OL	50 766	2 944	98.50	9.687	0.996	2 867.93
OSL	50 887	3 005	98.50	9.711	0.996	2 812.50
CS	57 033	2 980	98.70	9.601	0.997	2 941.26
CL	53 924	2 744	98.60	9.269	0.995	2 687.11
CSL	55 385	2 756	99.10	9.314	0.994	2 740.43

OS: 有机模式茄果连作; OL: 有机模式叶菜连作; OSL: 有机模式叶-茄轮作; CS: 常规模式茄果连作; CL: 常规模式叶菜连作; CSL: 常规模式叶-茄轮作。OS: organic management and solanaceous vegetable continuous cropping; OL: organic management and leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management and leafy-solanaceous vegetable rotation; CS: conventional management and solanaceous vegetable continuous cropping; CL: conventional management and leafy vegetable continuous cropping; CSL: conventional management and leafy-solanaceous vegetable rotation.

2.4 不同设施种植模式土壤细菌群落的主成分分析

为探究不同处理之间细菌群落结构差异，对其以主成分分析法(PCA)进行主成分提取，方差最大化正交旋转后(P=0.05)，提取了 2 个主成分，贡献率分别为 29.39%和 20.27%，结果如图 2，有机和常规设施种植模式的处理围绕 PC1 轴完全分开，有机设施种植处理分布在 PC1 轴的正轴，常规设施种植处理分布在 PC1 的负轴。说明有机和常规设施种植土壤细菌群落结构差异明显。另外，有机设施种植下，轮作和连作方式土壤群落结构差异明显，连作处理分布在 PC2 轴正轴，轮作处理在 PC2 轴负轴。而常规设施种植下，轮作和连作方式土壤群落结构差异不明显。

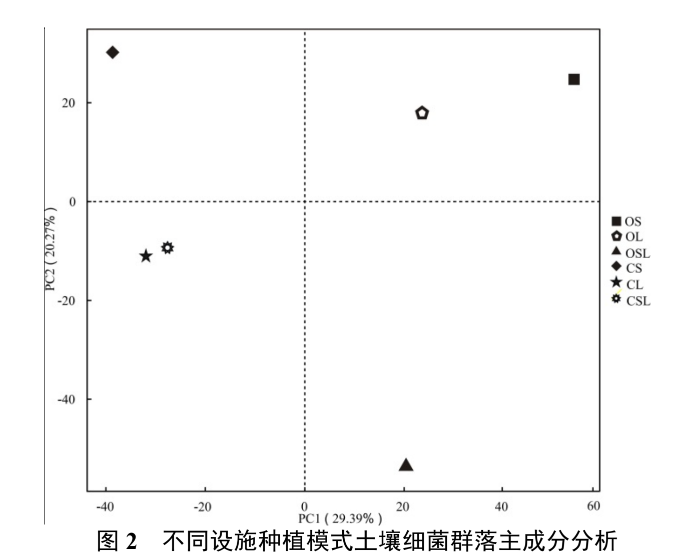


图 2　不同设施种植模式土壤细菌群落主成分分析

Fig. 2　PCA analysis of soil bacteria community from different facility management regimes

OS: 有机模式茄果连作; OL: 有机模式叶菜连作; OSL: 有机模式叶-茄轮作; CS: 常规模式茄果连作; CL: 常规模式叶菜连作; CSL: 常规模式叶-茄轮作。OS: organic management and solanaceous vegetable continuous cropping; OL: organic management and leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management and leafy-solanaceous vegetable rotation; CS: conventional management and solanaceous vegetable continuous cropping; CL: conventional management and leafy vegetable continuous cropping; CSL: conventional management and leafy-solanaceous vegetable rotation.

2.5　不同设施种植模式土壤细菌群落组成及相对丰度分析

提取97%相似水平的OTUs代表序列，应用RDP classifier贝叶斯算法进行分类学分析，得出属水平的各处理土壤细菌群落结构组成。细菌相对丰度大于0.5%的有14个属(图3)，分别是鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 5.05%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*, 4.84%)、溶杆菌属(*Lysobacter*, 1.49%)、节杆菌属(*Arthrobacter*, 0.95%)、*Bhargavaea*(0.79%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 0.62%)、*Bryobacter*(0.96%)、壤霉菌属(*Agromyces*, 0.62%)、*Candidatus Solibacter* (0.59%)、嗜酸栖热菌属(*Acidothermus*, 0.53%)、环脂酸芽孢杆菌属(*Tumebacillus*, 0.55%)、*Candidatus Entotheonella* (0.57%)、微枝形杆菌属(*Microvirga*, 0.61%)、芽生球菌属(*Blastococcus*, 0.51%)。其中，鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*)相对丰度较高(>4%)，其余菌属相对丰度都小于1.5%。

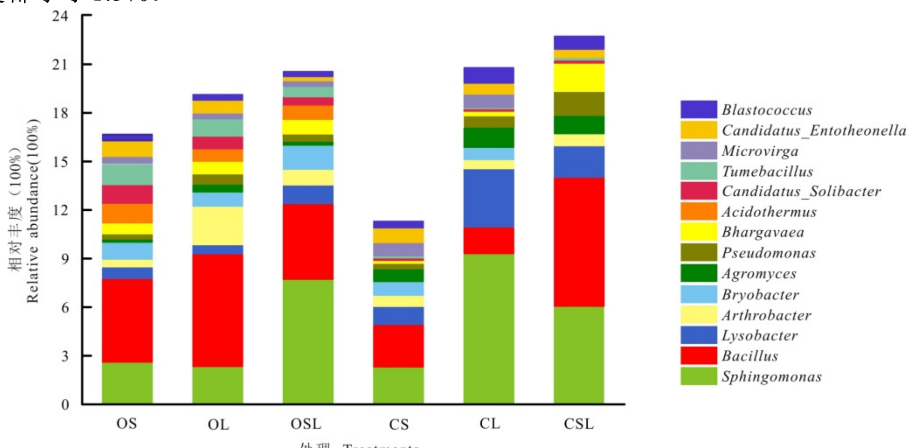


图3　不同设施种植模式土壤细菌的相对丰度(相对丰度>0.5%的属)

Fig. 3　Relative abundance of soil bacteria from different facility management regimes (only genera with relative abundance more than 0.5% are shown)

OS: 有机模式茄果连作; OL: 有机模式叶菜连作; OSL: 有机模式叶-茄轮作; CS: 常规模式茄果连作; CL: 常规模式叶菜连作; CSL: 常规模式叶-茄轮作。OS: organic management and solanaceous vegetable continuous cropping; OL: organic management and leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management and leafy-solanaceous vegetable rotation; CS: conventional management and solanaceous vegetable continuous cropping; CL: conventional management and leafy vegetable continuous cropping; CSL: conventional management and leafy-solanaceous vegetable rotation.

有机设施种植和常规设施种植土壤细菌属相对丰度(> 0.5%)如图4所示。其中，常规设施种植比有机设施种植显著较多的属有7个，分别为：鞘氨醇单胞菌属、假单胞菌属、壤霉菌属、芽生球菌属、溶杆菌属、*Candidatus Entotheonella*、微枝形杆菌属。有机模式比常规模式显著较多的属有7个，分别为：芽孢杆菌属、节杆菌属、*Bhargavaea*、*Bryobacter*、*Candidatus Solibacter*、嗜酸栖热菌属、环脂酸芽孢杆菌属。其中，嗜酸栖热菌属是有机设施种植模式的特有种。

轮作处理土壤细菌较连作处理显著较多的属有4个，分别为：芽孢杆菌属、溶杆菌属、*Bryobacter*和*Bhargavaea*。

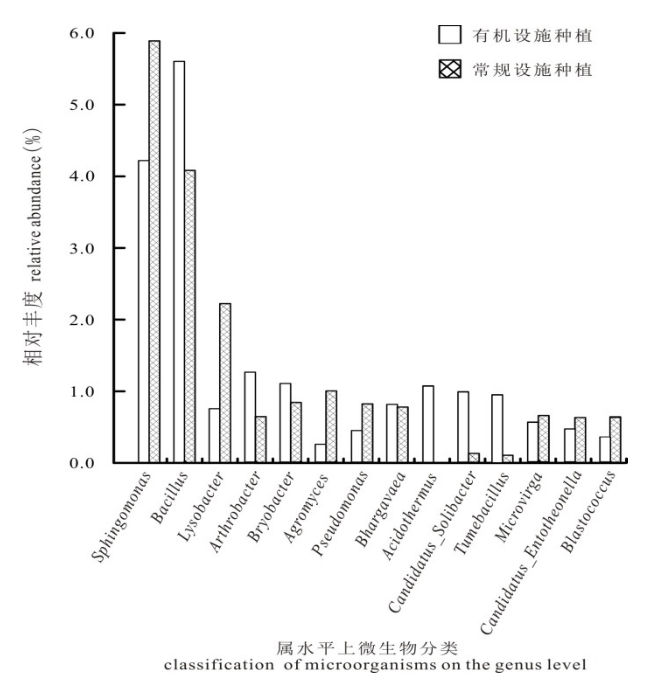


图4　属水平上(相对丰度>0.5%)有机和常规设施种植土壤细菌的相对丰度

Fig. 4　Relative abundance of soil bacteria on genus level from organic and conventional facility management regimes (only genera with relative abundance more than 0.5% are shown)

2.6　土壤细菌群落结构与土壤理化性质相关关系分析

先通过CANOCO软件进行去趋势对应分析，分析结果表明适合做RDA(图5)。轴1特征值为63.4%，轴2特征值为28.3%。RDA分析过程中，通过手动预选变量，选择5个土壤环境因子，分别是TP、AP、SOM、NH_4^+-N和AK，可以解释原有10个土壤环境因子变量的98.7%，基本上覆盖了所有的土壤环境信息。分析6个处理间的欧几里德距离，有机和常规设施种植土壤群落结构差异明显。在两种模式下轮作和连作处理都有一定差异，有机模式下轮作较连作差异更明显。TP和AP对土壤细菌群落结构的影响最大。假单胞菌属和*Bryobacter*与TP和AP呈正相关，*Blastococcus*和*Candidatus Entotheonella*与TP与AP呈负相关。SOM对土壤细菌群落结构产生较大影响。环脂酸芽孢杆菌属、*Candidatus Solibacter*和嗜酸栖热菌属与SOM呈正相关关系，壤霉菌属、溶杆菌属和鞘氨醇单胞菌属与SOM呈负相关。环脂酸芽孢杆菌属、*Candidatus Solibacter*和嗜酸栖热菌属都是分解有机质、利用碳源的细菌[22-24]，故存在于有机质丰富的土壤中，与SOM呈正相关。另外，NH_4^+-N和AK对土壤细菌群落结构也有一定影响。其中，芽孢杆菌属和节杆菌属与其呈正相关。

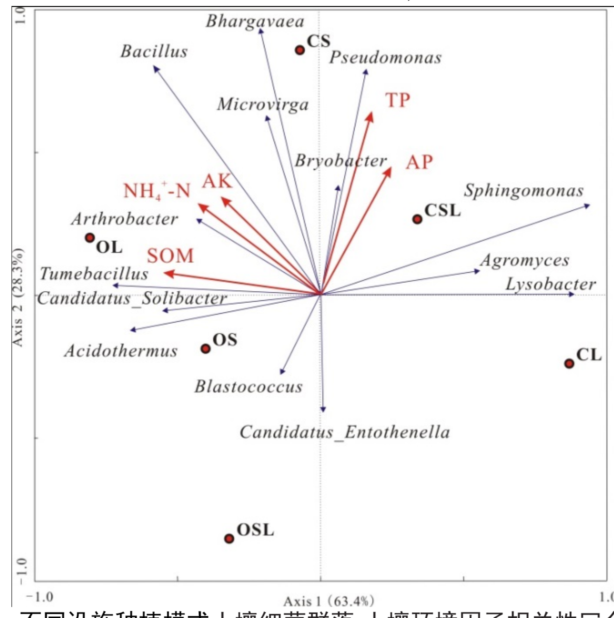


图5　不同设施种植模式土壤细菌群落-土壤环境因子相关性冗余分析

Fig.5　Redundancy analysis of relationship between soil bacteria community and soil environmental factors under different facility management regimes

OS: 有机模式茄果连作; OL: 有机模式叶菜连作; OSL: 有机模式叶-茄轮作; CS: 常规模式茄果连作; CL: 常规模式叶菜连作; CSL: 常规模式叶-茄轮作。OS: organic management and solanaceous vegetable continuous cropping; OL: organic management and leafy vegetable continuous cropping; OSL: organic management and leafy-solanaceous vegetable rotation; CS: conventional management and solanaceous vegetable continuous cropping; CL: conventional management and leafy vegetable continuous cropping; CSL: conventional management and leafy-solanaceous vegetable rotation.

3 讨论与结论

3.1 设施种植模式(有机/常规)对土壤细菌群落结构的影响

对各处理土壤细菌群落的主成分分析可知，有机和常规种植模式土壤细菌群落结构差异明显。α-多样性指数的结果表明，有机设施种植较常规种植土壤细菌群落多样性提高，这与Ge等[25]对茶园土壤微生物群落多样性的研究结果一致。两种种植模式不同施肥处理引起的可利用碳源的变化可能是影响土壤细菌多样性与群落结构的重要因素[26]。由于有机设施种植中施加的有机肥为土壤提供大量有机质，在有机质分解过程中形成不同类型的碳源[27]，这些作为微生物的食物资源，食物资源多样化导致微生物群落多样化。RDA结果也表明，土壤有机质是影响土壤细菌群落结构的主要因素。环脂酸芽孢杆菌属、*Candidatus Solibacter*和嗜酸栖热菌属这些分解有机质、利用碳源的细菌，与土壤有机质含量呈正相关关系。另外，长期施用有机肥可以改善土壤结构，为微生物生长提供有利的生境，从而提高微生物多样性[28]。RDA分析结果同样说明，有机和常规种植模式细菌群落结构差异明显，土壤磷素(全磷和速效磷)和有机质含量是影响细菌群落结构的主要因素。这说明设施土壤可能存在磷素缺乏现象，土壤缺磷导致微生物多样性下降，施肥后磷素增加，同时改善了土壤N/P，导致微生物多样性提高[29]。另一方面，两种设施种植下土壤细菌群落多样性的差异也可能是由于常规种植过程中使用的化学品(杀虫剂和农药)和盐分累积对土壤微生物产生了影响[25]。土壤微生物群落作为一个微观生态系统，具有一定的稳定性。有研究表明化学杀虫剂的使用作为外界干预会打破其自身的稳定性，造成少数适宜种群大量繁殖，部分不适宜种群受到抑制[30]。

有机和常规设施种植下土壤细菌群落的种类和数量均有一定差异。常规种植比有机种植显著较多的细菌属按照功能可划分为：降解化学杀虫剂等有机芳香化合物[31-33](鞘氨醇单胞菌属、假单胞菌属、壤霉菌属)；抵御不良环境、防治土壤病害[34-35](芽生球菌属、溶杆菌属)；促进硝化过程[36-37](*Candidatus Entotheonella*、微枝形杆菌)。常规设施种植土壤中降解大分子有机污染物的微生物较多，这可能是由于采用化学杀虫剂进行有害生物管理[38]。常规种植土壤中促进硝化过程的细菌较多，这是由于化肥施用量过大，氮肥大量累积导致。微生物也反作用于环境，促进硝化过程的细菌使得土壤氮素大量转化为硝酸根，硝酸根的积累是引起设施土壤次生盐渍化的主要因子[4]，并且随着设施种植年限的增加严重影响蔬菜产量和品质[39]。对土壤理化性质的分析结果印证了上述观点，常规设施种植土壤电导率值高于有机种植土壤，表明常规种植土壤的盐分积累问题较有机模式严重，硝态氮含量也呈现相同规律。另外，常规设施种植土壤中抵御不良环境的细菌较多，这是由于使用化学杀虫剂使得土壤病害在短期内被有效控制，害虫和疾病的发病率显著低于有机种植土壤，这与Finckh等[40]对土豆种植土壤的研究结果相似。但是长期使用杀虫剂导致土壤有机污染严重，土壤出现耐药性，使得抗病效果大大降低[41]。

有机种植比常规种植显著较多的菌属按照功能可划分为：促进植物生长[42](芽孢杆菌属)；分解有机质、利用碳源[22-24,43-44](节杆菌属、*Bhargavaea*、*Bryobacter*、*Candidatus Solibacter*、嗜酸栖热菌属、环脂酸芽孢杆菌属)。有机设施种植土壤中分解碳源的细菌和植物促生菌相比常规种植较多，上述研究结果与叶俊等[45]的研究结论一致。有机设施种植使用的有机肥为土壤微生物提供丰富多样的食物资源以及更适宜的生长环境。常规设施种植中大量使用化肥导致土壤有机碳快速分解，土壤中积累的有机碳总量并未增加，不能为微生物生长提供更丰富的碳源，土壤微生物量碳含量降低[46]，土壤微生物生长所需的碳源匮乏。有机设施种植采用生物措施控制病虫害，避免了环境有机污染，为植物提供良好生长环境。有机肥的施用不仅可以为作物生长提供相应的养分，同时可以改善土壤理化性状、有利于土壤养分平衡和增加。大量研究结果表明，和常规农产品相比，有机农产品富含更多的维生素C、磷素、钾素、矿质元素Fe、Mg[47]，感官品质及化学组成都要优于常规种植[48]。

3.2 轮作对土壤细菌群落结构的影响

通过主成分分析可知，有机设施种植下，轮作和连作土壤细菌群落结构差异明显；而常规设施种植下轮作和连作的土壤细菌群落结构差异不明显。α-多样性分析结果表明，有机设施种植下，轮作土壤的细菌多样性(Shannon 指数)较连作土壤高，但常规设施种植下，轮作土壤的细菌多样性(Shannon 指数、Simpson 指数)较连作(茄果连作)处理低。华菊玲等[49]在露天大田进行研究得出轮作提高土壤细菌群落多样性的结论。轮作增加了根系分泌物的种类，为微生物提供更多生长所需碳源类型，由此增加微生物多样性[15]。常规设施种植轮作土壤细菌多样性较低的原因可能是设施种植下高温高湿的土壤环境对常规种植土壤细菌多样性的影响大于有机设施种植处理[4]。另外，常规设施种植过程中大量化学品(化肥、农药和杀虫剂)的使用也可能降低土壤细菌群落多样性[50]。上述这些常规设施种植的因素可能影响了轮作对土壤细菌群落的作用，

故在本研究中，有机设施种植对轮作土壤细菌多样性的提高更明显。另外，通过分析轮作与连作方式下土壤细菌相对丰度大于 0.5%的菌属，可知轮作较连作明显上调的是促进植物生长(芽孢杆菌属)、防治土壤病害(溶杆菌属)、分解有机质(*Bhargavaea*)和促进土壤碳循环(*Bryobacter*)的菌属，这与李威等[51]的研究结果一致，说明轮作可以更好地调节土壤微生物群落结构、防治土壤病害、促进养分的利用，预防土壤的连作障碍。

本文从土壤微生物群落结构的角度对各处理3个重复样品混合进行测序分析，探究了不同设施种植和轮作条件下土壤细菌群落结构特征。结果表明：有机和常规设施种植下土壤细菌群落结构存在明显差异，有机设施种植模式提高了土壤细菌的多样性。常规设施种植土壤中存在较多的降解化学杀虫剂等有机芳香化合物、防治土壤病害和促进硝化过程的细菌；有机设施种植模式土壤中存在较多的碳源分解菌和植物促生菌。有机设施种植模式下进行轮作，更有利于其发挥改良土壤营养循环和防治土壤病虫害的作用。设施土壤细菌群落结构主要受全磷、速效磷、有机质3个土壤环境因子的影响。一些分解有机质、利用碳源的细菌(环脂酸芽孢杆菌属、*Candidatus Solibacter*和嗜酸栖热菌属)与土壤有机质含量呈正相关关系。上述不同设施种植模式和轮作对土壤细菌群落结构的影响还需要进行长期研究。

参考文献 References

[1] 史静，张乃明，包立. 我国设施农业土壤质量退化特征与调控研究进展[J]. 中国生态农业学报, 2013, 21(7): 787–794
Shi J, Zhang N M, Bao L. Research progress on soil degradation and regulation of facility agriculture in China[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2013, 21(7): 787–794

[2] 杨曙辉，宋天庆，欧阳作富，等. 关于我国设施农业可持续发展问题的战略研究[J]. 农业科技管理, 2011, 30(5): 1–5
Yang S H, Song T Q, Ouyang Z F, et al. Strategy research on the facility agriculture sustainable development in our country[J]. Management of Agricultural Science and Technology, 2011, 30(5): 1–5

[3] 何文寿. 设施农业中存在的土壤障碍及其对策研究进展[J]. 土壤, 2004, 36(3): 235–242
He W S. Soil problems and countermeasure in facility agriculture in China[J]. Soils, 2004, 36(3): 235–242

[4] 顾京晏，顾卫，张化，等. 我国设施农业土壤次生盐渍化生物改良措施研究进展[J]. 北京师范大学学报：自然科学版, 2016, 52(1): 70–75
Gu J Y, Gu W, Zhang H, et al. Biological measures for soil improvement of facility agriculture in China[J]. Journal of Beijing Normal University: Natural Science, 2016, 52(1): 70–75

[5] 何志刚，王秀娟，董环，等. 日光温室辣椒连作不同年限土壤微生物种群变化及酶活性研究[J]. 中国土壤与肥料, 2013, (1): 38–42
He Z G, Wang X J, Dong H, et al. Study on microbial and enzyme activity of *Capsicum* soil different ages in sunlight greenhouse[J]. Soils and Fertilizers Sciences in China, 2013, (1): 38–42

[6] Stefan A S, Klironomos J N, HilleRisLambers J, et al. Soil microbes drive the classic plant diversity-productivity pattern[J]. Ecology, 2011, 92(2): 296–303

[7] Schneider T, Keiblinger K M, Schmid E, et al. Who is who in litter decomposition? Metaproteomics reveals major microbial players and their biogeochemical functions[J]. The ISME Journal, 2012, 6(9): 1749–1762

[8] Berg G. Plant-microbe interactions promoting plant growth and health: Perspectives for controlled use of microorganisms in agriculture[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2009, 84(1): 11–18

[9] Mendes R, Kruijt M, Bruijn I, et al. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria[J]. Science, 2011, 332(6033): 1097–1100

[10] Meng F Q, Qiao Y H, Wu W L, et al. Environmental impacts and production performances of organic agriculture in China: A monetary valuation[J]. Journal of Environmental Management, 2017, 188: 49–57

[11] 汪润池，宗良纲，邱晓蕾，等. 有机与常规种植蔬菜地土壤微生物群落特征的比较[J]. 南京农业大学学报, 2012, 35(2): 99–104
Wang R C, Zong L G, Qiu X L, et al. Comparison of soil microbial community characteristics of organic and conventional vegetable fields[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2012, 35(2): 99–104

[12] 杨合法，范聚芳，戈志奇，等. 有机、无公害及常规生产模式番茄病害及防治效果比较研究[J]. 中国生态农业学报, 2009, 17(5): 933–937
Yang H F, Fan J F, Ge Z Q, et al. Main diseases and control effects of organic, integrated and conventional cultivation patterns of greenhouse tomato[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2009, 17(5): 933–937

[13] Baldock J A, Wheeler I, McKenzie N, et al. Soils and climate change: Potential impacts on carbon stocks and greenhouse gas

emissions, and future research for Australian agriculture[J]. Crop & Pasture Science, 2012, 63(3): 269–283
[14] 张信娣, 曹慧, 徐冬青, 等. 光合细菌和有机肥对土壤主要微生物类群和土壤酶活性的影响[J]. 土壤, 2008, 40(3): 443–447
Zhang X D, Cao H, Xu D Q, et al. Effects of photosynthetic bacteria and organic fertilizer on soil microorganisms and soil enzyme activities[J]. Soils, 2008, 40(3): 443–447
[15] 杨宁, 赵护兵, 王朝辉, 等. 豆科作物-小麦轮作方式下旱地小麦花后干物质及养分累积、转移与产量的关系[J]. 生态学报, 2012, 32(15): 4827–4835
Yang N, Zhao H B, Wang Z H, et al. Accumulation and translocation of dry matter and nutrients of wheat rotated with legumes and its relation to grain yield in a dryland area[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(15): 4827–4835
[16] 吴凤芝, 王澍, 杨阳. 轮套作对黄瓜根际土壤细菌种群的影响[J]. 应用生态学报, 2008, 19(12): 2717–2722
Wu F Z, Wang S, Yang Y. Effects of rotation and intercropping on bacterial communities in rhizosphere soil of cucumber[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2008, 19(12): 2717–2722
[17] 解开治, 徐培智, 李康活, 等. 三种不同种植模式对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2009, 15(5): 1107–1113.
Xie K Z, Xu P Z, Li K H, et al. Effects of three different cropping system on diversity of soil bacterial community[J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2009, 15(5): 1107–1113
[18] 曾希柏, 王亚男, 王玉忠, 等. 不同施肥模式对设施菜地细菌群落结构及丰度的影响[J]. 中国农业科学, 2013, 46(1): 69–79
Zeng X B, Wang Y N, Wang Y Z, et al. Effects of different fertilization regimes on abundance and composition of the bacterial community in greenhouse vegetable soils[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2013, 46(1): 69–79
[19] 王文锋. 有机物料部分替代化肥对设施菜田土壤微生物特性的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2015: 15–17
Wang W F. Effects of partial substitution of organic materials for chemical fertilizers on microbial characteristics of vegetable soil in greenhouse[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences Dissertation, 2015: 15–17
[20] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 30–32
Bao S D. Soil and Agricultural Chemistry Analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agricultural Press, 2000: 30–32
[21] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 107–109
Lu R K. The Analysis Methods of Soils and Agrochemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 107–109
[22] Yu Z H, Li Y S, Wang G H, et al. Effectiveness of elevated CO_2 mediating bacterial communities in the soybean rhizosphere depends on genotypes[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2016, 231: 229–232
[23] Rime T, Hartmann M, Brunner I, et al. Vertical distribution of the soil microbiota along a successional gradient in a glacier forefield[J]. Molecular Ecology, 2015, 24(5): 1091–1108
[24] 赵贵明, 赵勇胜, 杨海荣, 等. 环状脂肪酸芽孢杆菌的检测与控制研究进展[J]. 检验检疫学刊, 2011, 21(3): 8–12
Zhao G M, Zhao Y S, Yang H R, et al. Preview on the detection and control of *Alicyclobacillus* spp.[J]. Journal of Inspection and Quarantine, 2011, 21(3): 8–12
[25] Ge C R, Xue D, Yao H Y. Microbial biomass, community diversity, and enzyme activities in response to urea application in tea orchard soils[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 2010, 41(7): 797–810
[26] Kalbitz K, Solinger S, Park J H, et al. Controls on the dynamics of dissolved organic matter in soils: A review[J]. Soil Science, 2000, 164(4): 277–304
[27] He X Q, Qiao Y H, Liu Y X, et al. Environmental impact assessment of organic and conventional tomato production in urban greenhouses of Beijing City, China[J]. Journal of Cleaner Production, 2016, 134: 251–258
[28] Zak J C, Willig M R, Moorhead D L, et al. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1994, 26(9): 1101–1108
[29] Liu Z F, Fu B J, Zheng X X, et al. Plant biomass, soil water content and soil N∶P ratio regulating soil microbial functional diversity in a temperate steppe: A regional scale study[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(3): 445–450
[30] Young I M, Crawford J W. Interactions and self-organization in the soil-microbe complex[J]. Science, 2004, 304(5677): 1634–1637
[31] 邓维琴, 刘书亮, 姚开, 等. 3-苯氧基苯甲酸降解菌 *Sphingomonas* sp. SC-1 降解苯酚环境条件及其降解中间产物的研究[J]. 微生物学通报, 2015, 42(3): 497–503
Deng W Q, Liu S L, Yao K, et al. Study on the influence of environmental conditions and intermediates of phenol degradation by a 3-phenoxybenzoic acid degrading strain *Sphingomonas* sp. SC-1[J]. Microbiology China, 2015, 42(3): 497–503

[32] 唐美珍, 张凤凤, 罗琳, 等. *Pseudomonas flava* WD-3 固定化技术及其强化 SBR 污水处理的应用研究[J]. 环境科学学报, 2016, 36(5): 1639–1647
Tang M Z, Zhang F F, Luo L, et al. The immobilization of *Pseudomonas flava* WD-3 and its application in SBR for sewage treatment[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2016, 36(5): 1639–1647
[33] Zhao H M, Du H, Lin J, et al. Complete degradation of the endocrine disruptor di-(2-ethylhexyl) phthalate by a novel Agromyces sp. MT-O strain and its application to bioremediation of contaminated soil[J]. Science of the Total Environment, 2016, 562: 170–178
[34] 姬广海. 溶杆菌属及其在植物病害防治中的研究进展[J]. 云南农业大学学报, 2011, 26(1): 124–130
Ji G H. Advances in the study on *Lysobacter* spp. bacteria and their effects on biological control of plant diseases[J]. Journal of Yunnan Agricultural University, 2011, 26(1): 124–130
[35] 孙红敏, 余利岩, 张玉琴. 地嗜皮菌科放线菌的研究进展[J]. 微生物学报, 2015, 55(12): 1521–1529
Sun H M, Yu L Y, Zhang Y Q. Recent advance in Geodermatophilaceae — A review[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2015, 55(12): 1521–1529
[36] Breed E S, Murray E G D, Smith N R. Bergey's Manual of Determinative Bacteriology[M]. Bailliere, 1957: 403–445
[37] Amin A, Ahmed I, Habib N, et al. *Microvirga pakistanensis* sp. nov., a novel bacterium isolated from desert soil of Cholistan, Pakistan[J]. Archives of Microbiology, 2016, 198(10): 933–939
[38] Lupwayi N Z, Larney F J, Blackshaw R E, et al. Phospholipid fatty acid biomarkers show positive soil microbial community responses to conservation soil management of irrigated crop rotations[J]. Soil and Tillage Research, 2017, 168: 1–10
[39] 黄锦法, 李艾芬, 马树国, 等. 浙江嘉兴保护地土壤障碍的农化性状指标研究[J]. 土壤通报, 2001, 32(4): 160–162
Huang J F, Li A F, Ma S G, et al. Some soil and nutritional properties of mulched field[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2001, 32(4): 160–162
[40] Finckh M R, Schulte-Geldermann E, Bruns C. Challenges to organic potato farming: Disease and nutrient management[J]. Potato Research, 2006, 49(1): 27–42
[41] Bourn D, Prescott J. A comparison of the nutritional value, sensory qualities, and food safety of organically and conventionally produced foods[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2002, 42(1): 1–34
[42] 葛晓颖, 孙志刚, 李涛, 等. 设施番茄连作障碍与土壤芽孢杆菌和假单胞菌及微生物群落的关系分析[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(3): 514–523
Ge X Y, Sun Z G, Li T, et al. Soil *Pseudomonas* spp., *Bacillus* spp., and microbial communities under tomato continuous cropping in greenhouse production[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2016, 35(3): 514–523
[43] 张栋, 张晓瑜, 汤辉, 等. 河北平泉农田土壤放线菌物种多样性筛查[J]. 食品工业科技, 2014, 35(8): 197–201
Zhang D, Zhang X Y, Tang H, et al. Screening of species diversity of farmland soil actinomyces in Pingquan, Hebei Province[J]. Science and Technology of Food Industry, 2014, 35(8): 197–201
[44] 张福特, 黄惠琴, 崔莹, 等. 佳西热带雨林土壤芽胞杆菌分离与多样性分析[J]. 微生物学杂志, 2014, 34(4): 42–46
Zhang F T, Huang H Q, Cui Y, et al. Isolation and diversity of bacillus species from Jiaxi tropical rain forest soil[J]. Journal of Microbiology, 2014, 34(4): 42–46
[45] 叶俊, Perez P G, 王小丽, 等. 不同栽培环境下有机与常规蔬菜土壤的细菌群落多样性差异[J]. 农业环境科学学报, 2012, 31(4): 728–735
Ye J, Perez P G, Wang X L, et al. Bacterial community diversity of vegetable soils in organic and conventional managements under different cultivated environments[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2012, 31(4): 728–735
[46] 徐永刚, 宇万太, 马强, 等. 长期不同施肥制度对潮棕壤微生物生物量碳、氮及细菌群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2010, 21(8): 2078–2085
Xu Y G, Yu W T, Ma Q, et al. Effects of long-term fertilizations on microbial biomass C and N and bacterial community structure in an aquic brown soil[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2010, 21(8): 2078–2085
[47] Worthington V. Nutritional quality of organic versus conventional fruits, vegetables, and grains[J]. The Journal of Alternative and Complementary Medicine, 2001, 7(2): 161–173
[48] Thybo A K, Edelenbos M, Christensen L P, et al. Effect of organic growing systems on sensory quality and chemical composition of tomatoes[J]. LWT-Food Science and Technology, 2006, 39(8): 835–843
[49] 华菊玲, 刘光荣, 黄劲松. 连作对芝麻根际土壤微生物群落的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(9): 2936–2942
Hua J L, Liu G R, Huang J S. Effect of continuous cropping of sesame on rhizospheric microbial communities[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(9): 2936–2942
[50] Liu B, Tu C, Hu S J, et al. Effect of organic, sustainable, and conventional management strategies in grower fields on soil

physical, chemical, and biological factors and the incidence of Southern blight[J]. Applied Soil Ecology, 2007, 37(3): 202–214

[51] 李威, 程智慧, 孟焕文, 等. 轮作不同蔬菜对大棚番茄连作基质中微生物与酶及后茬番茄的影响[J]. 园艺学报, 2012, 39(1): 73–80
Li W, Cheng Z H, Meng H W, et al. Effect of rotating different vegetables on microbiomass and enzyme in tomato continuous cropped substrate and afterculture tomato under plastic tunnel cultivation[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2012, 39(1): 73–80